

us-10-523-363-5.rng

Qy	781	CTATTTCGGGCGCGTGGGTCGATGACAGCGTAACTATGGAAGTGGGATTTGCA	840
Db	790	CTAATTTCGGGCGCGTGGGTCGATGACAGCGTAACTATGGAAGTGGGATTTGCA	849
Qy	841	CCACTCAACATGTTGTTGTAATAATCTTAACTCCTATGAGCCTGATCTTATGATACA	900
Db	850	CCACTCAACATGTTTGTGTATATATGTCCTTAACTCCTATGAGCCTGATCTTATGATACA	909
Qy	901	GAACCTCGGTAATTTCTATTTAATTAATGATTTCTGAATTTCAATGTAAGCTTTGCTTTG	960
Db	910	GAACCTCGGTAATTTCTATTTAATTAATGATTTCTGAATTTCAATGTAAGCCTTTGCTTTG	969
Qy	961	GCTCTCCCAAGTCCCAACCACTGACTTCCTTATGGAATAACCGGCGAGAGATTTCACTGT	1020
Db	970	GCTCTCCCAAGTCCCAACCACTGACTTCCTTATGGAATAACCGGCGAGAGATTTCACTGT	1029
Qy	1021	CAGAAATTAAGGCAACCCGTAATGAGCTTACCTTGCGTCCAAATGTAATATTTGGTTATAT	1080
Db	1030	CAGAAATTAAGGCAACCCGTAATGAGCTTACCTTGCGTCCAAATGTAATATTTGGTTATAT	1089
Qy	1081	TTCTTCATCCAGCCTCAAAAAGAGAGATTTCTTTTCCCTGTGTATCCACTATATGT	1140
Db	1090	TTCTTCATCCAGCCTCAAAAAGAGAGATTTCTTTTCCCTGTGTATCCACTATATATGT	1149
Qy	1141	CTCTGTGCTGTGTGGCTCTCTCTGCACTTTCAGACAGTTTCTGTACTTCAGAAATGT	1200
Db	1150	CTCTGTGCTGTGTGGCTCTCTCTGCACTT-----CAGAAATGT	1188
Qy	1201	TACCACTTGTGTTCAACGATATGCGCTGAGCACTATCTGTGACATCGAATTTGGCTG	1260
Db	1189	TACCACTTGTGTTCAACGATATGCGCTGAGCACTATCTGTGACATCGAATTTGGCTG	1248
Qy	1261	GCATTAGGACATGTCCTTCTGTGTGGGCTGTGTCAATTTCTGCTGTGGACATGTTTC	1320
Db	1249	GCATTAGGACATGTCCTTCTGTGTGGGCTGTGTCAATTTCTGCTGTGGACATGTTTC	1308
Qy	1321	AGAGGATATCAACGGGCGCCTTGATTTGTATCAGAAATTTTACCGAATTTGCTACAGACCA	1380
Db	1309	AGAGGATATCAACGGGCGCCTTGATTTGTATCAGAAATTTTACCGAATTTGCTACAGACCA	1368
Qy	1381	ACCATTCACACGTGTCGAAAGGAGACCTGTGATGTCTGTGTGGAAAAAGTGGTAT	1440
Db	1369	ACCATTCACACGTGTCGAAAGGAGACCTGTGATGTCTGTGTGGAAAAAGTGGTAT	1428
Qy	1441	CGATTTCCAGCAGGCTTCTTCTTCTGACAAATTTGAGAGCTTCACTTCAATTCACAGAG	1500
Db	1429	CGATTTCCAGCAGGCTTCTTCTTCTGACAAATTTGAGAGCTTCACTTCAATTCACAGAG	1488
Qy	1501	TTCAAGAGTCACTTACAAAACCTTTTGCAAGAGACCTCTGAGCACCCGAGTTGTTCT	1560
Db	1489	TTCAAGAGTCACTTACAAAACCTTTTGCAAGAGACCTCTGAGCACCCGAGTTGTTCT	1548
Qy	1561	ACTGACATGATGACCAGAATCTTAAGAGGCCATCAATATATGATATCACTGAATATGC	1620
Db	1549	ACTGACATGATGACCAGAATCTTAAGAGGCCATCAATATATGATATCACTGAATATGC	1608
Qy	1621	CATTATTTATGAGATTGAGACCAATGAGAGAAACACCCGGGAGCCAAAATATTCATCC	1680
Db	1609	CATTATTTATGAGATTGAGACCAATGAGAGAAACACCCGGGAGCCAAAATATTCATCC	1668
Qy	1681	AATTAAGAGAAATGATCAAGCTTGCGCTATAGACCAATTCCTTGATGCTTCTAGATCTTCA	1740
Db	1669	AATTAAGAGAAATGATCAAGCTTGCGCTATAGACCAATTCCTTGATGCTTCTAGATCTTCA	1728
Qy	1741	AAGCTGCTGGGCACTTCTATGTCCCTTCTCTGTGAGTCAATATATACGTATACCTAATC	1800
Db	1729	AAGCTGCTGGGCACTTCTATGTCCCTTCTCTGTGAGTCAATATATACGTATACCTAATC	1788
Qy	1801	TACACATCTCTAAACCCCGGAAAGCAAAATCAGAGAGAAATGAGAGTTAG	1857
Db	1789	TACACATCTCTAAACCCCGGAAAGCAAAATCAGAGAGAAATGAGAGTTAG	1845

Query Match	Best Local Similarity	97.0%	Score 1801.8	DB 5	Length 1986
Matches 1834	Conservative	0	Mismatches	2	Indels 21; Gaps 1
1	ATGGCTAGTCAGAGGGGCTCGGACGCGCTGAAAGGCGAGGGGCCAGAGTGGGGATACG	60			
23	ATGGTATTCAGAGGGGCTCGGACGCGCTGAAAGGCGAGGGGCCAGAGTGGGGATACG	82			
61	GGCCCGCTGGGAGACAGCTGGGGAGCTGCTGGGACCGAGAGGCGGGCGCGCGGAG	120			
83	GGCCCGCTGGGAGACAGCTGGGGAGCTGCTGGGACCGAGAGGCGGGCGCGCGGAG	142			
121	CACCGGACCGAGCTATCTGGGAGCAAAACAGAGCAAGCTGGGGCACTGAAGATCTACT	180			
143	CACCGGACCGAGCTATCTGGGAGCAAAACAGAGCAAGCTGGGGCACTGAAGATCTACT	202			
181	GCTTCAAGTGTCTCTTTCAGCAAGTATATGTGTCTCTCTTTCAGCAAGTCTCTGAC	240			
203	GCTTCAAGTGTCTCTTTCAGCAAGTATATGTGTCTCTCTTTCAGCAAGTCTCTGAC	262			
241	TGTATGAAACATTCACTACTTGGAGCCACACTACTTATCTATATGGGGAAGGTTT	300			
263	TGTATGAAACATTCACTACTTGGAGCCACACTACTTATCTATATGGGGAAGGTTT	322			
301	CAGACTTGGGAATATTCGCCAGCAATATGCATTCGCTCTATAGTCTTACTCTGTGCTTCA	360			